

10 30 50
 CTGCACGAGAGGCACAGATTTATCAAGCTCCTCAGTCAACAAACACATCACCGGAAGAAA
 70 90 110
 CATGGAAGGAAAGGAATTTTAAAGGAAATACCAATCTCTGTGCAACAAAGCCTTGTAT
 130 150 170
 ATTCATGTTTGCACCAATCTACTGTGAGATTTATGAAGAAAAACAAATTGCGGACAACCT
 190 210 230
 TCTATGTACACTTACAAATGCCTCAGTTGATGCTTGTGGGCTGTTTGTGAGCGTTCTGTG
 250 270 290
 ATAATGAACACATGGACTTCTGTTTATTAAATTCAGTTGACCCCTTTAGCCAATTGCCAG
 310 330 350
 GAGCCTGGATTTTACTTCCAACCTGCTGATATCTGTGTAAAAATTGATCTACATCCACCC
 370 390 410
 TTTAAAGCATTTGATGAATTAATTAGAATTTAGACAACAAGAAAAATTGAAAAGAATTC
 430 450 470
 TCAGTAAAGCGAATTCGATGTTCAAAACAACTACAAAGAGACAAGACTTCTCTGTTTA
 490 510 530
 CTTTCTAAGAACTAATATAATTGCTACCTTAAAAAGGAAAAAATGAACAGCACATGTATT
 550 570 590
 GAAGAACAGCATGACCTGGATCACTATTGTTTCCCATTGTTTACATCTTTGTGATTATA
 E E Q H D L D H Y L F P I V Y I F V I I
 610 630 650
 GTCAGCATTCAGCCAATATTGGATCTCTGTGTGTCTTTTCTGCAACCCAAGAAGGAA
 V S I P A N I G S L C V S F L Q P K K E
 670 690 710
 AGTGAAGTAGGAATTTACCTCTTCAGTTGTCACTATCAGATTTACTCTATGCATTAAC
 S E L G I Y L F S L S L S D L L Y A L T
 730 750 770
 CTCCCTTTATGGATTGATTATACTTGGAAATAAGACAACCTGGACTTTCTCTCCTGCCTTG
 L P L W I D Y T W N K D N W T F S P A L
 790 810 830
 TGCAAAGGGAGTGCTTTTCTCATGTACATGAAGTTTACAGCAGCACAGCATTCCTCACC
 C K G S A F L M Y M K F Y S S T A F L T
 850 870 890
 TGCATTGCCGTTGATCGGTATTTGGCTGTGTCTACCCTTTGAAGTTTTCCTAAGG
 C I A V D R Y L A V V Y P L K F F F L R
 910 930 950
 ACAAGAAGATTGCACTCATGGTCAGCCTGTCCATCTGGATATTGGAACCATCTTCAAT
 T R R I A L M V S L S I W I L E T I F N
 970 990 1010
 GCTGTCTGTTGTGGGAAGATGAAACAGTTGTTGAATATTGCGATGCCGAAAAGTCTAAT
 A V M L W E D E T V V E Y C D A E K S N
 1030 1050 1070
 TTTACTTTATGCTATGACAAATACCCCTTTAGAGAAATGGCAAATCAACCTCAACTTGTT
 F T L C Y D K Y P L E K W Q I N L N L F
 1090 1110 1130
 AGGACGTGTACAGGCTATGCAATACCTTTGGTCACCATCCTGATCTGTAACCGGAAAGTC
 R T C T G Y A I P L V T I L I C N R K V
 1150 1170 1190
 TACCAAGCTGTGCGGCACAATAAGCCACGGAAAACAAGGAAAAGAAGAGAATCATAAAA
 Y Q A V R H N K A T E N K E K K R I I K
 1210 1230 1250
 CTACTTGTGATCATCAGTTACTTTTGTCTTATGCTTTACTCCCTTTTATGTGATGTTG
 L L V S I T V T F V L C F T P F H V M L
 1270 1290 1310
 CTGATTGCTGATTTTATAGCATGCTGTGAACCTCGAAGACCACAGCAATTCTGGGAAG
 L I R C I L E H A V N F E D H S N S G K
 1330 1350 1370
 CGAATTACACAATGTATAGAATCACGGTTGCATTAACAAGTTTAAATTGTGTGCTGAT
 R T Y T M Y R I T V A L T S L N C V A D
 1390 1410 1430
 CCAATTCTGTACTGTTTGTACCGAAACAGGAAGATATGATATGTGGAATATATAAAA
 P I L Y C F V T E T G R Y D M W N I L K

10/3 FIGURE 1 1/2 325800-450

1450 1470 1490
 TTCTGCACTGGGAGGTGTAATACATCACAAAGACAAAGAAAACGCATACTTCTGTGTCT
 F C T G R C N T S Q R Q R K R I L S V S
 1510 1530 1550
 ACAAAGATACTATGGAATTAGAGGTCCTTGAGTAGAACCAAGGATGTTTTGAAGGGAAG
 T K D T M E L E V L E *
 1570 1590 1610
 GGAAGTTTAAGTTATGCATTATTATATCATCAAGATTACATTTTGAAAAGGAAATCTAGC
 1630 1650 1670
 ATGTGAGGGGACTAAGTGTCTCAGAGTGATGTTTAAATCCAGTCCAATAAAAAATATCTT
 1690 1710 1730
 AAAACTGCATTGTACAGCTCCCTCCCTGCGTTTTATTAAATGATGTATATTAAACAAAGA
 1750
 TCAATATTTTCTT

FIGURE 1 $\frac{2}{2/2}$

2 of 3

305800-450

Homology Comparison HTNAD29.Pro x Hu. PAF receptor

Percent Similarity: 53.438 Percent Identity: 29.375

```

4 TCIEEQHDLHDHYLFPIVYIFVIIVSIPAN..IGSLCVSFLQPKKESELGI 51
.: . : : . ||||| : : : : || : . : . : . : || : |
5 DSSHMDSEFRYTLFPFIVYSIIFVLGVIANGYVLWVVFARLYPCKKFNEIKI 54

52 YLFSLSLSDLLYALTPLWIDYTNKDNWTFSPALCKGSAFLMYMKFYSS 101
: . . | . : : | : : ||||| | . | : | . : . | | . : . : | : |
55 FMVNLTMADMLFLITLPLWIVYYQNQGNWILPKFLCNVAGCLFFINTYCS 104

102 TAFLTCIAVDRLAVVYPLKFFFLRTRRIALMVSLSIWILETIFNAVMLW 151
. ||| . | . : | : || . | : | . | : : : || | : . . : |
105 VAFLGVITYNRFQAVTRPIKTAQANTRKRGISLSLVIWVAIVGAASYFLI 154

152 EDETVEYCDAEKSNFTLCYDKYPLEKWQINLNLFRCTCTGYAIPLVTLI 201
| . | . . | : : | . | : : | . . : : : : : : : : : | :
155 LDSTNTVPDSAGSGNVTRCFEYKGSVPVLIHIFIVFSFFLVFLIILF 204

202 CNRKVY.....QAVRHNKATENKEKKRIIKLLVSITVTFVLCFTPFHVML 246
|| : . | : : : : | : : | : : : : . | : : : | : | :
205 CNLVIIRTLLMQPVQQQRNAEVTG..RALWMVCTVLAVFIICFVPHHVQ 252

247 LIRCILEHAVNFEDHSNSGKRTYTMRYITVALTSLNCVADPILYCFVTET 296
| : : | : : | : . . . . : : | : || | : : | : | : | :
253 LPWTLAE..LGFQD.SKFHQAINDAHQVTLCLLSTNCVLDPVIYCFLLTK 299

297 GRYDMWNILKFCTGRCNTSQRQRKRILSVSTKDTMELEVLE 337
| : . : | : | : . | | . | : | : | : | :
300 FRKHL..TEKFYSMRSS.....RKCSRATTDTVTEVVVP 331

```

3 of 3 FIGURE 2 1/1 325800-450